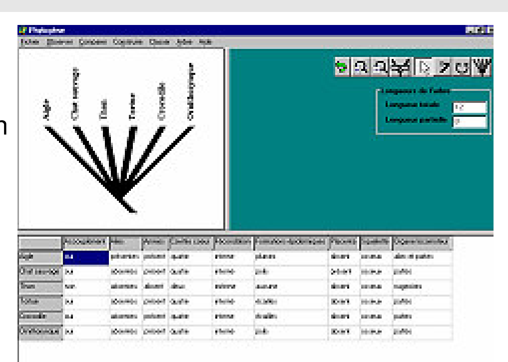
Mode d'emploi du logiciel PHYLOGENE

D'après l'aide en ligne du logiciel www.inrp.fr\Acces\biotic\evolut\phylogene\accueil.htm

Objectif du logiciel

Phylogène © permet, à partir de diverses activités (observer, comparer, construire, classer, tracer un arbre) d'étudier la classification et l' évolutiondes êtres vivants. Il dispose d' un ensemble de fonctionnalités qui permettent de travailler sur des données morphologiques, anatomiques et moléculaires.



<table>
<tr><th colspan="3">Menu Fichiers</th></tr>
<tr><td rowspan="4">Ouvrir</td><td>Images</td><td>fichiers (phg) avec données morphologiques, anatomiques, biologiques des espèces</td></tr>
<tr><td>Tableau de caractères</td><td>Fichiers (tab) de comparaisons déjà établies d'espèces.</td></tr>
<tr><td>Tableau de molécules (* voir en page 3)</td><td>Fichiers (aln) de comparaisons de molécules d'espèces différentes</td></tr>
<tr><td>Arbre</td><td>Fichiers (arb) avec arbre phylogénétique et tableau de comparaison correspondant.</td></tr>
<tr><td>Enregistrer le tableau</td><td colspan="2">Enregistre le tableau de comparaison réalisé</td></tr>
<tr><td>Enregistrer l'arbre</td><td colspan="2">Enregistre l'arbre phylogénétique réalisé</td></tr>
<tr><td>Voir la planche des espèces</td><td colspan="2">Permet d'afficher les imagettes des diverses espèces (inactif si seul un tableau de molécules a été ouvert)</td></tr>
<tr><td>Imprimer</td><td colspan="2">Imprime l'écran dans son état</td></tr>
<tr><td>Tout fermer</td><td colspan="2">Ferme l'ensemble des fichiers ouverts sans quitter le logiciel</td></tr>
<tr><td>Quitter</td><td colspan="2">Quitte le logiciel</td></tr>
</table>

Menu Observer

Fournit des informations sous forme de textes ou images sur l'espèce sélectionnée dans le bandeau de défilement d'imagettes en bas d'écran ou dans la planche des espèces.
Le choix des données à afficher se fait par l'intermédiaire des listes déroulantes en bas d'écran



Menu Comparer

Permet de comparer **quatre** espèces sélectionnées dans le bandeau de défilement inférieur ou dans la planche des espèces.
Le choix des critères de comparaisons se fait par l'intermédiaire des listes déroulantes en bas d'écran. Il est possible de supprimer ou de changer une espèce à comparer en cliquant sur son image ou sur une nouvelle image dans le bandeau inférieur ou dans la planche des espèces.



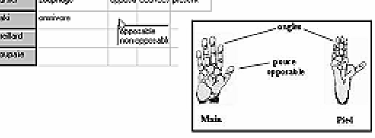
Menu Construire

Permet la construction d' une matriceen vue de faire le point sur les observations réalisées et de préparer éventuellement le tracé d' un arbre phylogénétique.



Sélectionner ou désélectionner les taxons (espèces) dans le bandeau défilant ou la planche des espèces.
Sélectionner ou désélectionner et les caractères dans la liste déroulante (ordre alphabétique).

Pour remplir la case, cliquer dedans et choisir parmi les états possibles du caractère qui s' affichent en même temps qu' un documentpermettant de déterminer cet état pour l'espèce considérée. Cliquer sur l' état choisi pour qu' s' inscrive dans la matrice.

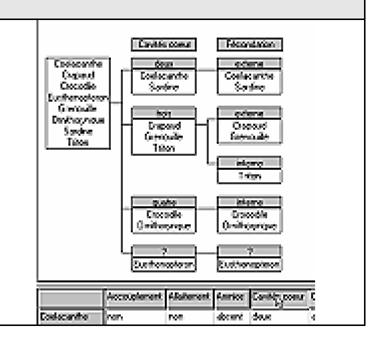


Une fois la matrice remplie, le bouton Vérifier permet de corriger les éventuelles erreurs.

Menu Classer

La classification se fait à partir d' une matriceconstruite et vérifiée ou simplement à partir d'un fichier.

Pour les classer les espèces en fonction des états d' un caractère, cliquer sur celui-ci dans la matrice. Pour le désélectionner, il suffit de recliquer dessus.



Menu Arbre

Le cladogramme ne peut se construire qu'à partir d' une matricevérifiée ou d'un fichier ouvert.

Construction d'un cladogramme pas à pas

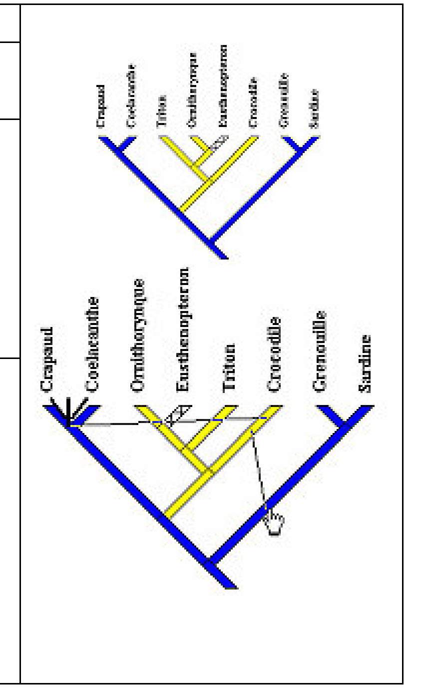
La seule hypothèse de départ est que tous les taxons choisis ont une origine commune (un même ancêtre commun)

Choisir un caractère en cliquant sur son nom dans la matrice. Un code couleur apparaît alors sur les branches du cladogramme :

- en jaune: état dérivé du caractère
- en bleu : état primitif du caractère

Déplacer, à l'aide de la souris, les branches de l' arbre:

- cliquer sur la branche à déplacer avec le bouton gauche de la souris
- sans lâcher ce bouton, déplacer la souris de façon à venir faire le branchement là où on le souhaite (lorsque le branchement est possible, un symbole apparaît : doigt pointé vers le haut pour un branchement simple ; symbole de multifurcation pour un branchement multiple)



Barre d'outils

	Annule les actions effectuées successivement		Permet les permutations	Longueurs de l'arbre Longueur totale 8 Longueur partielle 2 Indique le nombre de sauts évolutifs qu' il faut envisagepour l'ensemble de l'arbre (*total*) ou en considérant uniquement le caractère sélectionné (*partielle*)
	Zoom avant		Enracine le schéma sur le taxon choisi (cliquer sur la branche ou le nœud choisi)	
	Zoom arrière		Permute les branches autour d'un noeud (cliquer sur le nœud choisi)	
	Affiche l'état du caractère sur chaque branche		Annule toutes les actions	

(*) Comparaison moléculaire
Affiche un tableau comparatif de la séquence de molécules de diverses espèces. Permet ainsi de construire matrice ou arbre phylogénétique. Une espèce peut être sélectionnée ou désélectionnée en cliquant sur son nom dans le tableau de comparaison.

Arbre	Affiche les résultats de la comparaison sous forme d'arbre (voir ci-dessus pour l'utilisation des boutons)
Matrice des distances	Affiche la matrice des distances correspondant à l'arbre
Ajouter des molécules	Ajoute une molécule (format du fichier .adn, . pro, .mol)
Aligner	Aligne les séquences affichées
Options	Choix des options de représentation des arbres et des types de calcul des distances

Menu Aide
Affiche les rubriques habituelles des logicielles mais aussi un **glossaire** des termes utilisés dans ***Phylogène*** ©.